



TITLE:

3-9 伊豆大島の外来マカク種に関する遺伝学的調査

AUTHOR(S):

佐伯, 真美; 白井, 啓

CITATION:

佐伯, 真美 ...[et al]. 3-9 伊豆大島の外来マカク種に関する遺伝学的調査.
霊長類研究所年報 2010, 40: 132-132

ISSUE DATE:

2010-09-21

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166799>

RIGHT:

なるハプロタイプを示した。

これらハプロタイプの違いを解析すると、遺伝的距離から美方や城崎の群れと篠山の群れ間で早い段階から隔離分断されていた可能性が考えられた。理由として、最終氷期に分断隔離された地域個体群に生じた分化が反映している可能性が、考えられた。しかし、過去の生息情報を考慮すると、古くから捕獲圧が高い地域が多く、群れの消滅も多いことから、別に捕獲の影響も原因と考えられる。今年度は、6つの群れに所属している成獣オス8頭のミトコンドリアDNAを分析したところ、第1可変域、第2可変域ともに所属していた群れの成獣メスと同じハプロタイプを示し、調査群間のオス移住の証拠は得られなかった。今後は、さらに、オスのサンプルのミトコンドリアDNAの分析を進めるとともに、地域個体群間での遺伝子の交流についてその他の遺伝子マーカー核遺伝子を用いて評価を進める予定である。

3-9 伊豆大島の外来マカク種に関する遺伝学的調査

佐伯真美、白井啓（野生動物保護管理事務所）

対応者：川本芳

本研究は東京都伊豆大島に生息するタイワンザルの基礎データを得ることを目的に、島内のタイワンザル個体群の遺伝学的集団構造について調査を行った。

伊豆大島には1939年から1945年にかけて島内の動物園から逸走し野生化したサルが生息しており、現在、島の中央を除くほぼ全域に群れが分布している。これまでの共同利用研究で、島内のタイワンザルのミトコンドリアDNA(mtDNA)Dループ第1可変域(520塩基対)および第2可変域(202塩基対)を解読し、それぞれ2つのハプロタイプ(A・B)を検出した。ハプロタイプの地理的分布状況には偏りが見られ、逸走元である動物園を境にAタイプは時計回りに、Bタイプは半時計回りに分布拡大したように観測された。

今年度の研究では、有害駆除や学術捕獲で得られた約100個体のDNAサンプルを用いて常染色体マイクロサテライト11遺伝子座、Y染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析を行った。常染色体マイクロサテライト11遺伝子座は全て多型性を示し、計44個の対立遺伝子が検出された(平均4個)。全遺伝子座において有意水準5%でハーディ・ワインベルグ平衡が成立した。mtDNAハプロタイプでは地理的分化が見られたが、常染色体遺伝子の結果では島内に分集団化は見られず、大島個体群はひとつの繁殖単位である可能性が示唆された。またY染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析の結果、2つのハプロタイプを検出した。2タイプの

地理的な出現頻度に有意な差は見られなかった。今後はサンプル数を増やし、島個体群の連鎖不平衡やボトルネックの兆候について研究したい。

3-10 静岡県愛鷹地域に生息するニホンザルの遺伝的多様性・地域分化及び保全

大橋正孝（静岡県森林・林業研究センター）

対応者：川本芳

静岡県愛鷹地域のニホンザルについて、周辺地域からの分化、孤立状況を定量化することを目的に、有害捕獲などにより得られた55個体(うち愛鷹地域4個体)について、ミトコンドリアDNAのDループ第1可変領域512塩基対の配列を調べた。この結果に昨年度の15個体(うち愛鷹地域9個体)分の結果を加え、Clustalx2.0.10で配列の比較を行い、遺伝距離に基づきNJ法によりnjplotを用いて類似図を作成した。

その結果、大きくは、南アルプス・愛鷹地域と伊豆地域の2つに区分され、22(うち県内は20)のハプロタイプが存在した。

また、同じ試料のうちオス31個体(うち愛鷹地域4個体)については、オスの拡散を介した地域個体群の遺伝子交流を反映していると考えられるY染色体遺伝子について、川本により個体変異が確認されている3つの遺伝子座について分析を行ったところ、3座位の多型の組み合わせから11タイプが確認された。

今後は試料を充実させ、マイクロサテライト遺伝子についても分析を行い、オスの遺伝子交流から多様性や地域分化について明らかにする。

3-11 分子生物学的解析によるニホンザル腸管寄生虫相の地域変異

藤田志歩、佐藤宏（山口大・農）

対応者：川本芳

野生ニホンザルから検出される腸管寄生虫相の構成および各寄生虫の検出率は、地域変異がみとめられることがこれまでに報告されている。しかし、糞線虫、鞭虫、蟯虫、旋尾線虫類といった腸管寄生虫の一部は形態的鑑別が難しいため、従来の方法では類縁の種が混在する可能性も指摘されているため(Satoh et al., 2005)、このような地域変異については再検討する必要があると考えられる。本研究は、あらたに開発した分子生物学的手法を用いて、各地域の野生ニホンザルに感染する腸管寄生虫の種鑑別を行うとともに、種内変異についても調べ、ニホンザルの生息環境と腸管寄生虫相との関連について明らかにすることを目的とした。材料は、青森県下